10/525 621 Rec PCT/PTO 22 FEB 2005

PCT/JP 03/10434 (*

日本国特許庁 JAPAN PATENT OFFICE

19.08.03

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出願年月日 Data of Application

2002年 8月22日

REC'D 0 3. OCT 2003

WIPO

PCT

Date of Application:

特願2002-241487

Application Number: [ST. 10/C]:

[JP2002-241487]

出 願
Applicant(s):

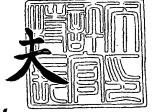
人

エーザイ株式会社

PRIORITY DOCUMENT SUBMITTED OR TRANSMITTED IN COMPLIANCE WITH RULE 17.1(a) OR (b)

特許庁長官 Commissioner, Japan Patent Office 2003年 9月19日

今并康



BEST AVAILABLE COPY

【書類名】

特許願

【整理番号】

E1-A0201

【提出日】

平成14年 8月22日

【あて先】

特許庁長官殿

【発明者】

【住所又は居所】

京都府京都市中京区壬生辻町31-1ライオンズマンシ

ョン四条大宮1111

【氏名】

清末 優子

【発明者】

【住所又は居所】

神奈川県横浜市栄区本郷台二丁目24番13号

【氏名】

佐々木 博之

【発明者】

【住所又は居所】

京都府京都市中京区堺町通二条上ル亀屋町167グラン

フォルム京都御所南502

【氏名】

月田 承一郎

【特許出願人】

【識別番号】

000000217

【氏名又は名称】 エーザイ株式会社

【代表者】

内藤 晴夫

【代理人】

【識別番号】

100102978

【弁理士】

【氏名又は名称】 清水 初志

【選任した代理人】

【識別番号】 100108774

【弁理士】

【氏名又は名称】 橋本 一憲



【手数料の表示】

【予納台帳番号】 041092

【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】 明細書 1

【物件名】 図面 1

【物件名】 要約書 1

【プルーフの要否】 要



【書類名】 明細書

【発明の名称】 変異型APCタンパク質発現細胞、およびその利用

【特許請求の範囲】

【請求項1】 細胞の重層化を誘導し得る機能を有することを特徴とする変 異型APCタンパク質。

【請求項2】 APCタンパク質の少なくとも以下の(a)~(c)のいずれかのアミノ酸領域が欠損した、請求項1に記載の変異型APCタンパク質。

- (a) 配列番号:1に記載のAPCタンパク質において、2827位のアミノ酸以降のC末端側アミノ酸領域
- (b)配列番号:1に記載のAPCタンパク質において、2159位のアミノ酸以降のC末端側アミノ酸領域
- (c)配列番号:1に記載のAPCタンパク質において、860位のアミノ酸以降のC末端側アミノ酸領域

【請求項3】 アフリカツメガエル由来である、請求項1または2に記載の変異型APCタンパク質。

【請求項4】 請求項1~3のいずれかに記載の変異型APCタンパク質のアミノ酸配列において1もしくは複数のアミノ酸が置換、欠失、付加および/または挿入したアミノ酸配列からなる、細胞の重層化を誘導し得る変異型APCタンパク質。

【請求項5】 請求項1~4のいずれかに記載の変異型APCタンパク質を コードするポリヌクレオチド。

【請求項6】 請求項5に記載のポリヌクレオチドを含むベクター。

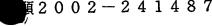
【請求項7】 人為的に発現させた請求項1~4のいずれかに記載の変異型 APCタンパク質または請求項6に記載のベクターを有する細胞。

【請求項8】 哺乳動物由来である、請求項7に記載の細胞。

【請求項9】 アフリカツメガエル由来である、請求項7に記載の細胞。

【請求項10】 樹立された細胞株である、請求項7~9のいずれかに記載の細胞。

【請求項11】 以下の工程(a)~(c)を含む、細胞の重層化阻害剤の



候補化合物のスクリーニング方法。

- (a) 請求項7~9のいずれかに記載の細胞と被検化合物を接触させる工程、
- (b) 上記細胞の重層化を検出する工程、
- (c) 重層化を阻害する化合物を選択する工程

【請求項12】 以下の工程(a)~(d)を含む、細胞の重層化を誘導し 得る変異型APC蛋白質をコードするポリヌクレオチドをスクリーニングする方 法。

- (a) アフリカツメガエル由来の細胞に、被検ポリヌクレオチドを導入して変異 型APC蛋白質を発現させる工程、
 - (b)上記細胞を培養する工程、
 - (c) 上記細胞の重層化を検出する工程、
 - (d) 上記細胞を重層化させるポリヌクレオチドを選択する工程

【発明の詳細な説明】

[0001]

【発明の属する技術分野】

本発明は、細胞の重層化を誘導し得る変異型APCタンパク質、および該タン パク質を発現する細胞に関する。

[0002]

【従来の技術】

adenomatous polyposis coli (APC) 遺伝子は、家族性大腸腺腫症(FAP)の原 因遺伝子として同定された癌抑制遺伝子であるが、APC遺伝子の変異はFAPに限ら ず非遺伝性の大腸腺腫や大腸癌の発生に関与していることが明らかにされている 。FAP患者では大腸に多数の良性ポリープを形成し、その中から悪性化した癌細 胞が出現する。大腸癌は、多数の癌遺伝子や癌抑制遺伝子に多段階的に変異が起 きて発症するが、APC遺伝子の変異は最も早期に発見されており、APC遺伝子の異 常が大腸癌発症の原因と考えられている。

[0003]

APCタンパク質(以下、APC)は、2843アミノ酸からなる分子量約310kDaの大き



なタンパク質で、多数のタンパク質と結合する。これまでに、脱リン酸化酵素PP 2A B56サブユニット、APC-stimulated guanine nucleotide exchange factor (A sef)、キネシンファミリーに属する微小管関連モータータンパク質KAP3/KIF3A/K IF3B複合体、Wntシグナル伝達系構成因子である β -catnein/GSK-3 β /Axin、細胞骨格成分である微小管、微小管結合タンパク質EB/RPファミリー・タンパク質、細胞周期調節因子p34cdc2リン酸化酵素、アポトーシス関連タンパク質Siah-1、癌抑制遺伝子産物hDLGと直接結合することが報告されている。FAP患者のポリープ及び大腸癌細胞では、APCの対立遺伝子の両方に変異が生じており、途中で切断されてC末端領域を欠失した変異型APCのみが発現されている。この変異型APCが異常な機能を有することにより、細胞が癌化すると考えられている。

[0004]

APCは β -catne in/GSK-3 β /Ax in と複合体を形成して β -caten in の分解を促進し、その存在量を低く維持する機能があることが報告されている。 β -caten in が多量に存在すると、核に移行して転写因子と結合し細胞増殖を促進するため、当初、APCは β -caten in の存在量を制御することで癌抑制タンパク質として機能していると考えられた。しかしながら、FAPモデルマウスを用いたポリープ形成過程の詳細な観察から、ポリープ内では細胞増殖の促進は起こっておらず、上皮細胞としての細胞間接着構造を維持しつつ本来とは異なる形態をとることによってポリープを形成していることが明らかにされ、APCが細胞形態や運動の制御に関与していると考えられるようになっている。さらに、APCが、アクチン細胞骨格の制御機能を持つAsefや、微小管と結合することが見出され、APCが細胞骨格の制御に関わっている可能性が考えられ始めている。

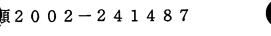
[0005]

正常及び変異型APCの細胞形態や運動に関わる機能を明らかにし、ポリープ形成及び癌化の原因の解明が望まれていた。

[0006]

【発明が解決しようとする課題】

本発明は、このような状況に鑑みてなされたものであり、その目的は、正常および変異型APCの細胞形態や運動に関わる機能を明らかにすることにある。さら



に本発明は、得られた知見を基に変異型APCタンパク質の用途を提供することに ある。

[0007]

【課題を解決するための手段】

本発明者らは、APCの機能を詳細に明らかにするために、自家蛍光タンパク質 (GFP; gren fluorescent protein) で標識した全長及び変異型APCを上皮細胞に 発現させた。融合タンパク質cDNAを細胞へ導入し、薬剤耐性を利用して融合タン パク質を安定的に発現する独立な(independent)クローンを数株ずつ単離したと ころ、異なる構造の変異型APC発現細胞を発現するそれぞれのクローンにおいて 共通して、細胞層の隆起が観察された。電顕微鏡観察において、細胞間隙が増加 して細胞接着が弱化し、細胞が重層化していることが認められた。全長APCを発 現する細胞株では、細胞の重層化は起こらず、細胞接着はより強化された。免疫 組織染色によって、重層化した細胞群は細胞間接着構造を保持していることが確 認された。以上の結果より、変異型APCは細胞の重層化を引き起こすことを見出 し、本発明を完成するに至った。変異型APCを発現する細胞は、細胞間接着構造 を保持しているが、細胞の重層化が見られるという現象は、本発明者らによって 初めて見出された知見である。

[0008]

本発明の変異型APCは、正常上皮細胞の単層性を阻害し、細胞間接着を維持さ せながら細胞を重層させることから、本発明の変異型APCを発現する細胞は、ポ リープ形成現象のモデル細胞として有用である。さらに、本発明の変異型APCを 発現する細胞は、細胞の重層化を阻害する化合物のスクリーニングに利用するこ とが可能である。

[0009]

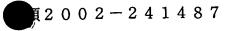
即ち本発明は、細胞の重層化を誘導し得る変異型APCタンパク質、および該 タンパク質を発現する細胞、並びに該細胞の用途に関し、より具体的には、

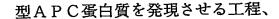
- 細胞の重層化を誘導し得る機能を有することを特徴とする変異型APC [1]タンパク質、
- [2] APCタンパク質の少なくとも以下の(a)~(c)のいずれかのアミ



ノ酸領域が欠損した、〔1〕に記載の変異型APCタンパク質、

- (a) 配列番号:1に記載のAPCタンパク質において、2827位のアミノ酸以降のC末端側アミノ酸領域
- (b) 配列番号:1に記載のAPCタンパク質において、2159位のアミノ酸以降のC末端側アミノ酸領域
- (c)配列番号:1に記載のAPCタンパク質において、860位のアミノ酸以降のC末端側アミノ酸領域
- [3] アフリカツメガエル由来である、〔1〕または〔2〕に記載の変異型APCタンパク質、
- [4] [1]~[3]のいずれかに記載の変異型APCタンパク質のアミノ酸配列において1もしくは複数のアミノ酸が置換、欠失、付加および/または挿入したアミノ酸配列からなる、細胞の重層化を誘導し得る変異型APCタンパク質
- [5] $[1] \sim [4]$ のいずれかに記載の変異型APCタンパク質をコードするポリヌクレオチド、
- [6] [5] に記載のポリヌクレオチドを含むベクター、
- [7] 人為的に発現させた〔1〕~〔4〕のいずれかに記載の変異型APCタンパク質または〔6〕に記載のベクターを有する細胞、
- [8] 哺乳動物由来である、〔7〕に記載の細胞、
- [9] アフリカツメガエル由来である、〔7〕に記載の細胞、
- [10] 樹立された細胞株である、〔7〕~〔9〕のいずれかに記載の細胞、
- [11] 以下の工程(a)~(c)を含む、細胞の重層化阻害剤の候補化合物のスクリーニング方法、
- (a) [7]~[9]のいずれかに記載の細胞と被検化合物を接触させる工程、
- (b) 上記細胞の重層化を検出する工程、
- (c) 重層化を阻害する化合物を選択する工程
- [12] 以下の工程(a)~(d)を含む、細胞の重層化を誘導し得る変異型 APC蛋白質をコードするポリヌクレオチドをスクリーニングする方法。
- (a) アフリカツメガエル由来の細胞に、被検ポリヌクレオチドを導入して変異





- (b) 上記細胞を培養する工程、
- (c) 上記細胞の重層化を検出する工程、
- (d) 上記細胞を重層化させるポリヌクレオチドを選択する工程 を、提供するものである。

[0010]

【発明の実施の形態】

本発明は、変異型APCタンパク質(本明細書においては「変異型APC」と略記する場合あり)を提供する。細胞において本発明の変異型APCが発現することにより、細胞の重層化が誘導される。本発明の変異型APCは、本発明者らによって細胞間接着を維持しながら細胞の重層化を誘因するタンパク質として特定されたものである。

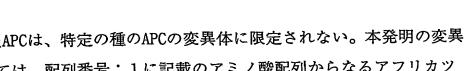
[0011]

本発明において「変異型」とは、正常APCタンパク質のアミノ酸配列において、単一または複数のアミノ酸が置換、欠失、付加または挿入されたタンパク質を指す。また、上記「変異」は、置換されたアミノ酸が類似の構造的または化学的特性を有する保存的変異であってもよく、あるいは非保存的置換を伴う変異であってもよい。つまり、本発明の変異型APCは、細胞の重層化を誘導し得る機能を有するものであれば、その変異の種類は特に制限されない。本発明における変異型APCは、通常、人為的に作製(もしくは正常APCを基に改変)、あるいは単離・精製されたものである。

[0012]

また、APCタンパク質は、これまでのところ種々の生物において見出されている。これらの正常APCタンパク質のアミノ酸配列は、公共のデータベースから容易に入手することができる。例えば、ヒトのAPCタンパク質のアミノ酸配列のGen Bankのアクセッション番号はM74088であり、アフリカツメガエルのAPCタンパク質のアミノ酸配列はのGenBankのアクセッション番号はU64442である。アフリカツメガエルのAPCタンパク質のアミノ酸配列を配列番号:1に記載する。

[0013]



本発明の変異型APCは、特定の種のAPCの変異体に限定されない。本発明の変異 型APCの一例としては、配列番号:1に記載のアミノ酸配列からなるアフリカツ メガエルのAPCタンパク質の変異体を挙げることができる。

[0014]

本発明の好ましい態様においては、変異型APCは、正常APCの一部のアミノ酸領 域が欠失されたタンパク質(切断型APCタンパク質)である。

[0015]

本発明の変異型APCは、通常、C末端の3つのアミノ酸TSV配列(DLG結合領域) を欠失したものである。このTSV配列は、PDZタンパク質結合モチーフとされてお り、この領域で、PZDタンパク質の一つのhDLGタンパク質と結合することが報告 されている (Matsumine A, et al., Science (1996);272(5264):1020-3) 。また 本発明の変異型APCは、少なくとも「heptad repeats」および「armadillo repea ts」を含むN末端アミノ酸領域を有することが好ましい。具体的には本発明の変 異型APCとして、下記の(a)~(c)のいずれかのアミノ酸領域が少なくとも 欠損した構造を有するタンパク質を挙げることができる。

- (a) C末端のTSV配列 (DLG結合領域)、より具体的には、配列番号:1 に記載 のAPCタンパク質において、2827位のアミノ酸以降のC末側アミノ酸領域
- (b) C末端側の酸性領域(basic region)およびTSV配列、より具体的には、配列 番号:1に記載のAPCタンパク質において、2159位のアミノ酸以降のC末側ア ミノ酸領域
- (c) 15アミノ酸リピート(15a.a. repeats)、20アミノ酸リピート(20a.a. repe ats)、C末端側の酸性領域(basic region)およびTSV配列、より具体的には、配列 番号:1に記載のAPCタンパク質において、860位のアミノ酸以降のC末側ア ミノ酸領域

[0016]

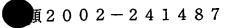
また、上記のタンパク質において1もしくは複数個のアミノ酸が欠失、置換も しくは付加されたアミノ酸配列を有するものであって、細胞の重層化を誘導し得 る機能を有するタンパク質もまた、本発明に含まれる。このタンパク質を調製す るための方法としては、例えば、ハイブリダイゼーション技術あるいは遺伝子増 幅技術を利用する方法が挙げられる。即ち、当業者であれば、ハイブリダイゼーション技術(Current Protocols in Molecular Biology edit. Ausubel et al. (1987) Publish. John Wily & Sons Section 6.3-6.4)を利用して、上記変異型A PCをコードするDNA配列またはその一部をもとに同種または異種生物由来のDNA試料から、これと相同性の高いDNAを単離して、該DNAから本発明のタンパク質を得ることは、通常行いうることである。このように単離されたタンパク質をコードするDNAとハイブリダイズするDNAによりコードされるタンパク質であって、細胞の重層化を誘導し得る機能を有するタンパク質もまた本発明のタンパク質に含まれる。

[0017]

変異型APCにおいて1もしくは複数個のアミノ酸が欠失、置換もしくは付加されたアミノ酸配列を有するタンパク質をコードするDNAを単離するためのストリンジェントなハイブリダイゼーション条件としては、通常「1xSSC、0.1% SDS、37 ℃」程度の条件であり、より厳しい条件としては「0.5xSSC、0.1% SDS、42℃」程度の条件であり、さらに厳しい条件としては「0.2xSSC、0.1% SDS、65℃」程度の条件である。このようにハイブリダイゼーションの条件が厳しくなるほどプローブ配列と高い相同性を有するDNAの単離を期待しうる。但し、上記SSC、SDSおよび温度の条件の組み合わせは例示であり、当業者であれば、ハイブリダイゼーションのストリンジェンシーを決定する上記若しくは他の要素(例えば、プローブ濃度、プローブの長さ、ハイブリダイゼーション反応時間など)を適宜組み合わせることにより、上記と同様のストリンジェンシーを実現することが可能である。

[0018]

このようなハイブリダイゼーション技術を利用して単離されるDNAによってコードされるポリペプチドは、通常、本発明の変異型APCとアミノ酸配列において高い相同性を有する。高い相同性とは、少なくとも40%以上、好ましくは60%以上、さらに好ましくは80%以上、さらに好ましくは90%以上、さらに好ましくは少なくとも95%以上、さらに好ましくは少なくとも97%以上(例えば、98~99%)の配列の相同性を指す。アミノ酸配列の同一性は、例えば、Karlin and Altsc



hul によるアルゴリズムBLAST (Proc. Natl. Acad. Sei. USA 87:2264-2268, 19 90、Proc. Natl. Acad. Sei. USA 90:5873-5877, 1993)によって決定することができる。このアルゴリズムに基づいて、BLASTXと呼ばれるプログラムが開発されている(Altschul et al. J. Mol. Biol.215:403-410, 1990)。BLASTXによってアミノ酸配列を解析する場合には、パラメーターはたとえば score = 50、wordlength = 3とする。BLASTとGapped BLASTプログラムを用いる場合には、各プログラムのデフォルトパラメーターを用いる。これらの解析方法の具体的な手法は公知である(http://www.ncbi.nlm.nih.gov.)。

[0019]

本発明において、「細胞の重層化」とは、例えば、以下のような細胞の状態(形態)であるものと、記述することができるが、通常、正確に定義することは困 難であるため、下記の状態に特に制限されるものではない。

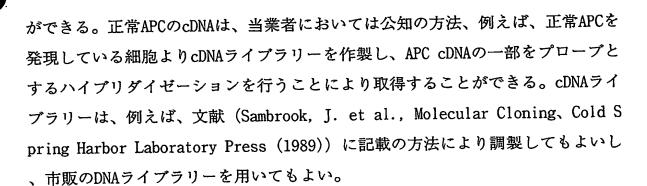
- (a) 異なる細胞の核が高さ方向に複数重なって観察される。
- (b) 細胞体が、細胞層から遊離せず、単層状態の細胞(例えば、A6細胞)の平均的な高さ $(2-4~\mu\,\mathrm{m})$ よりも明らかに高い位置に存在する。
- (c)電子顕微鏡レベルでは明らかに細胞体や細胞核が高さ方向に複数存在して 見られる領域は、光学顕微鏡レベル(位相差顕微鏡法)では細胞単層に"しわ "が寄りうねったように観察される。

[0020]

本発明において、細胞の重層化を誘導し得るタンパク質であるか否かは、当業者においては公知の方法により判定することができる。例えば、対象となるタンパク質を発現する細胞について、位相差顕微鏡または蛍光抗体法によって、細胞が重層化されているか否かを容易に確認することができる。

[0021]

本発明の変異型APCは、例えば、正常APCタンパク質をコードするDNAの塩基配列を基に、当業者においては、一般的に周知の方法(PCR法等)を利用して作製することができる。例えば、上記の変異型APCタンパク質の作製は、通常、該タンパク質をコードするDNAを正常APCのcDNAまたはゲノムDNAを鋳型とするPCR法により増幅し、該DNAを発現ベクターへクローニングすることよって実施すること



[0022]

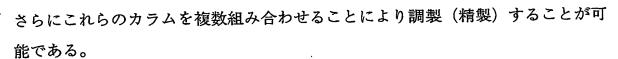
上記変異型APCは、より具体的には、後述の実施例で示す方法により作製することができる。当業者においては、後述の実施例に示す方法を適宜改変して、正常APCの任意のアミノ酸領域を有する変異型APCを作製することが可能である。

[0023]

また、本発明の変異型APCは、正常APCタンパク質のアミノ酸配列(例えば、配列番号:1に記載のアミノ酸配列)を改変することによって作製することができる。例えば、アミノ酸配列の改変は、部位特異的変異誘発法(Current Protocols in Molecular Biology edit. Ausubel et al. (1987) Publish. John Wily & Sons Section 8.1-8.5)) 等の周知の方法により正常APCタンパク質をコードするDNAの塩基配列を改変し、塩基配列が改変されたDNAを適当な細胞において発現させることにより行うことができる。タンパク質中のアミノ酸の変異は、自然界(天然)において生じることもあり、本発明のタンパク質には、細胞間接着を維持しながら細胞の重層化を誘導し得る機能を有する限り、単離された天然のAPCタンパク質変異体も含まれるが、通常、本発明の変異型APCは人為的に作出されたものである。

[0024]

本発明の変異型APCは、当業者に公知の方法により、組み換えポリペプチドとして調製することが可能である。組み換えポリペプチドは例えば、本発明の変異型APCをコードするDNAを、適当な発現ベクターに組み込み、これを適当な宿主細胞に導入して得た形質転換体を回収し、抽出物を得た後、イオン交換、逆相、ゲル濾過などのクロマトグラフィー、あるいは本発明の変異体に対する抗体をカラムに固定したアフィニティークロマトグラフィーにかけることにより、または、



[0025]

また、本発明の変異型APCをグルタチオン S-トランスフェラーゼ蛋白質との融合ポリペプチドとして、あるいはヒスチジンを複数付加させた組み換えポリペプチドとして宿主細胞(例えば、動物細胞や大腸菌など)内で発現させた場合には、発現させた組み換えポリペプチドはグルタチオンカラムあるいはニッケルカラムを用いて精製することができる。融合ポリペプチドの精製後、必要に応じて融合ポリペプチドのうち、目的の変異体以外の領域を、トロンビンまたはファクターXaなどにより切断し、除去することも可能である。

[0026]

また、本発明の変異型APCをコードするポリヌクレオチドも本発明に含まれる。該ポリヌクレオチドには、本発明の変異型APCをコードするDNA、および該DNAの転写産物であるRNAが含まれる。

[0027]

さらに本発明は、本発明のDNAが挿入されたベクターを提供する。本発明のベクターは、細胞において本発明の変異型APCを発現させるため、あるいは、本発明の変異型APCを生産させるために有用である。

[0028]

上記ベクターは、例えば、大腸菌を宿主とする場合には、ベクターを大腸菌(例えば、JM109、DH5 α 、HB101、XL1Blue)などで大量に増幅させ大量調製するために、大腸菌で増幅されるための「ori」をもち、さらに形質転換された大腸菌の選抜遺伝子(例えば、適当な薬剤(アンピシリンやテトラサイクリン、カナマイシン、クロラムフェニコールにより選択できるような薬剤耐性遺伝子)を有するものであれば特に制限されない。ベクターの例としては、M13系ベクター、pUC系ベクター、pBR322、pBluescript、pCR-Script等が挙げられる。また、cDNAのサブクローニング、切り出しを目的とする場合、上記ベクターの他に、例えば、pGEM-T、pDIRECT、pT7等が挙げられる。発現ベクターとしては、例えば、大腸菌で発現を目的とした場合は、ベクターが大腸菌で増幅されるような上記特徴を

有する以外に、宿主をJM109、DH5 α 、HB101、XL1-Blueなどの大腸菌とした場合においては、大腸菌で効率よく発現できるようなプロモーター、例えば、lacZプロモーター(Wardら,Nature(1989)341,544-546;FASEB J.(1992)6,2422-2427)、araBプロモーター(Betterら,Science(1988)240,1041-1043)、またはT7プロモーター等を有することが望ましい。このようなベクターとしては、上記ベクターの他にpGEX-5X-1(ファルマシア社製)、「QIAexpress system」(キアゲン社製)、pEGFP、またはpET(この場合、宿主はT7 RNAポリメラーゼを発現しているBL21が好ましい)等が挙げられる。

[0029]

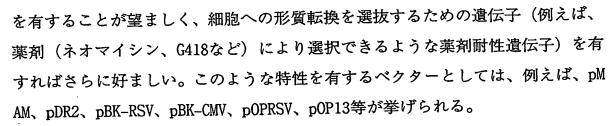
また、ベクターには、ポリペプチド分泌のためのシグナル配列が含まれていてもよい。ポリペプチド分泌のためのシグナル配列としては、大腸菌のペリプラズムに産生させる場合、pelBシグナル配列(Lei, S. P. et al J. Bacteriol.(1987)169,4379)を使用すればよい。宿主細胞へのベクターの導入は、例えば塩化カルシウム法、エレクトロポレーション法を用いて行うことができる。

[0030]

大腸菌以外にも、例えば、本発明の変異型APCを発現させるためのベクターとして、哺乳動物由来の発現ベクター(例えば、pcDNA3(インビトロゲン社製)や、pEGF-BOS(Nucleic Acids. Res.1990, 18(17),p5322)、pEF 、pCDM8)、昆虫細胞由来の発現ベクター(例えば「Bac-to-BAC baculovairus expression system」(ギブコBRL社製)、pBacPAK8)、植物由来の発現ベクター(例えばpMH1、pMH2)、動物ウィルス由来の発現ベクター(例えば、pHSV、pMV、pAdexLcw)、レトロウイルス由来の発現ベクター(例えば、pZIPneo)、酵母由来の発現ベクター(例えば、「Pichia Expression Kit」(インビトロゲン社製)、pNV11、SP-Q01)、枯草菌由来の発現ベクター(例えば、pPL608、pKTH50)が挙げられる。

[0031]

CHO細胞、COS細胞、NIH3T3細胞等の動物細胞での発現を目的とした場合には、細胞内で発現させるために必要なプロモーター、例えばSV40プロモーター(Mulliganら, Nature (1979) 277, 108)、MMLV-LTRプロモーター、EF1 α プロモーター (Mizushimaら, Nucleic Acids Res. (1990) 18, 5322)、CMVプロモーター等



[0032]

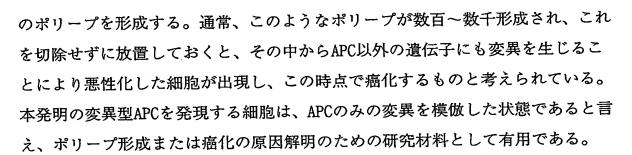
また、動物の生体内で本発明の変異型APCを発現させる方法としては、本発明のDNAを適当なベクターに組み込み、例えば、レトロウイルス法、リポソーム法、カチオニックリポソーム法、アデノウイルス法などにより生体内に導入する方法などが挙げられる。用いられるベクターとしては、例えば、アデノウイルスベクター (例えばpAdexlcw) やレトロウイルスベクター (例えばpZIPneo)などが挙げられるが、これらに制限されない。ベクターへの本発明のDNAの挿入などの一般的な遺伝子操作は、常法に従って行うことが可能である(Molecular Cloning ,5.61-5.63)。生体内への投与は、ex vivo法であっても、in vivo法であってもよい。

[0033]

また、本発明は、本発明のベクターが導入された細胞を提供する。本発明の好ましい態様においては、該細胞は、人為的に本発明の変異型APCを発現させた細胞 (例えば、変異型APCを人為的に導入し発現させた細胞)である。本発明のベクターが導入される細胞は特に制限されず、例えば、大腸菌や種々の動物細胞等を用いることが可能である。本発明の好ましい態様においては、該細胞は本発明の変異型APCの発現により、細胞間接着を維持しながら細胞の重層化が見られることを特徴とする上皮細胞である。本発明の細胞は、より好ましくは、本発明の変異型APCを安定的に発現する樹立された細胞株である。また本発明の細胞は、好ましくは動物由来の細胞であり、より好ましくはアフリカツメガエル由来の細胞 (例えば、A6細胞)である。

[0034]

本発明の変異型APCを発現する細胞は、実際のAPC変異によるポリープ形成細胞と類似していると考えられる。家族性大腸腺腫症(FAP)患者の場合、初期段階において正常な細胞間接着を形成し、浸潤性を持たず、まだ悪性化していない良性



[0035]

また、本発明の細胞は、細胞の重層化を阻害する化合物のスクリーニングに有用である。本発明の変異型APCを発現する細胞がアフリカツメガエル由来の細胞である場合には、該細胞は、室温、非二酸化炭素環境下で培養できる利点を有する。

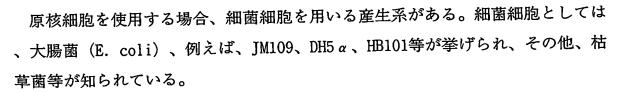
[0036]

本発明の細胞は、本発明の変異型APCの製造や発現のための産生系として使用することができる。本発明の変異型APCの製造のための産生系は、in vitroおよびin vivo の産生系がある。in vitroの産生系としては、真核細胞を使用する産生系や原核細胞を使用する産生系が挙げられる。

[0037]

真核細胞を使用する場合、例えば、動物細胞、植物細胞、真菌細胞を宿主に用いることができる。動物細胞としては、哺乳類細胞、例えば、CHO(J. Exp. Med. (1995) 108, 945)、COS、3T3、ミエローマ、BHK (baby hamster kidney)、HeLa、Vero、両生類細胞、例えばアフリカツメガエル細胞、あるいは昆虫細胞、例えば、Sf9、Sf21、Tn5が知られている。CHO細胞としては、特に、DHFR遺伝子を欠損したCHO細胞であるdhfr-CHO (Proc. Natl. Acad. Sci. USA (1980) 77, 4216-4220) やCHO K-1 (Proc. Natl. Acad. Sci. USA (1968) 60, 1275) を好適に使用することができる。動物細胞において、大量発現を目的とする場合には特にCHO細胞が好ましい。宿主細胞へのベクターの導入は、例えば、リン酸カルシウム法、DEAEデキストラン法、カチオニックリボソームDOTAP (ベーリンガーマンハイム社製)を用いた方法、エレクトロポレーション法、リポフェクション等の方法で行うことが可能である。

[0038]



[0039]

これらの細胞を目的とするDNAにより形質転換し、形質転換された細胞をin vi troで培養することによりポリペプチドが得られる。培養は、公知の方法に従い行うことができる。例えば、動物細胞の培養液として、例えば、DMEM、MEM、RPM I1640、IMDMを使用することができる。その際、牛胎児血清(FCS)等の血清補液を併用することもできるし、無血清培養してもよい。

[0040]

また、in vivoでポリペプチドを産生させる系としては、例えば、動物を使用する産生系や植物を使用する産生系が挙げられる。これらの動物又は植物に本発明の変異型APCをコードするDNAを導入し、動物又は植物の体内で変異型APCを産生させ、回収する。

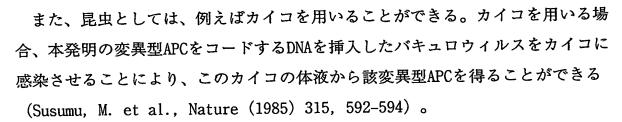
[0041]

動物を使用する場合、哺乳類動物、昆虫を用いる産生系がある。哺乳類動物としては、ヤギ、ブタ、ヒツジ、マウス、ウシを用いることができる(Vicki Glas er, SPECTRUM Biotechnology Applications, 1993)。また、哺乳類動物を用いる場合、トランスジェニック動物を用いることができる。

[0042]

例えば、本発明の変異型APCをコードするDNAを、ヤギ β カゼインのような乳汁中に固有に産生されるポリペプチドをコードする遺伝子との融合遺伝子として調製する。次いで、この融合遺伝子を含むDNA断片をヤギの胚へ注入し、この胚を雌のヤギへ移植する。胚を受容したヤギから生まれるトランスジェニックヤギ又はその子孫が産生する乳汁から、本発明の変異型APCを得ることができる。トランスジェニックヤギから産生されるポリペプチドを含む乳汁量を増加させるために、適宜ホルモンをトランスジェニックヤギに使用してもよい(Ebert, K.M. et al., Bio/Technology (1994) 12, 699-702)。

[0043]



[0044]

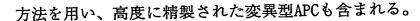
さらに、植物を使用する場合、例えばタバコを用いることができる。タバコを用いる場合、本発明の変異型APCをコードするDNAを植物発現用ベクター、例えばpMON 530に挿入し、このベクターをアグロバクテリウム・ツメファシエンス(Agrobacterium tumefaciens)のようなバクテリアに導入する。このバクテリアをタバコ、例えば、ニコチアナ・タバカム(Nicotiana tabacum)に感染させ、本タバコの葉より本発明の変異型APCを得ることができる(Julian K.-C. Ma et al.. Eur. J. Immunol.(1994)24, 131-138)。

[0045]

これにより得られた本発明の変異型APCは、宿主細胞内または細胞外(培地など)から単離し、実質的に純粋で均一なポリペプチドとして精製することができる。ポリペプチドの分離、精製は、通常のポリペプチドの精製で使用されている分離、精製方法を使用すればよく、何ら限定されるものではない。例えば、クロマトグラフィーカラム、フィルター、限外濾過、塩析、溶媒沈殿、溶媒抽出、蒸留、免疫沈降、SDS-ポリアクリルアミドゲル電気泳動、等電点電気泳動法、透析、再結晶等を適宜選択、組み合わせればポリペプチドを分離、精製することができる。

[0046]

クロマトグラフィーとしては、例えばアフィニティークロマトグラフィー、イオン交換クロマトグラフィー、疎水性クロマトグラフィー、ゲル濾過、逆相クロマトグラフィー、吸着クロマトグラフィー等が挙げられる(Strategies for Protein Purification and Characterization: A Laboratory Course Manual. Ed Daniel R. Marshak et al., Cold Spring Harbor Laboratory Press, 1996)。これらのクロマトグラフィーは、液相クロマトグラフィー、例えばHPLC、FPLC等の液相クロマトグラフィーを用いて行うことができる。本発明には、これらの精製



[0047]

一般的に、 \mathbb{W} ntシグナル伝達系のアッセイとして、アフリカツメガエルの卵に \mathbb{W} ntシグナル因子の \mathbb{W} ntシグナル因子の \mathbb{W} ntシグナル因子の \mathbb{W} ntシグナル因子の \mathbb{W} ntシグナル因子の \mathbb{W} ntいる(\mathbb{W} ntいる(\mathbb{W} ntいられている(\mathbb{W} ntいる(\mathbb{W} ntいられている(\mathbb{W} ntシグナル伝達系における機能が議論されている。従って、この種の実験において本発明の精製された変異型 \mathbb{W} ntいることも可能である。

[0048]

また本発明は、細胞の重層化阻害剤のための候補化合物をスクリーニングする 方法を提供する。本発明のスクリーニング方法は、(a)本発明の変異型APCを 発現する細胞と被験化合物を接触させる工程、(b)該細胞の重層化を検出する 工程、および(c)重層化を阻害する化合物を選択する工程を含む。

[0049]

本発明のスクリーニング方法に用いる被検化合物としては特に制限はなく、例 えば、合成低分子化合物のライブラリー、精製タンパク質、遺伝子ライブラリー の発現産物、合成ペプチドのライブラリー、細胞抽出液、細胞培養上清等が挙げ られる。

[0050]

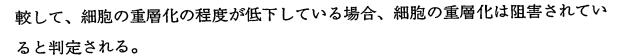
上記工程(a)の「接触」は通常、本発明の変異型APCを発現する細胞の培養 液へ、被検化合物を添加することにより実施することができるが、この方法に特 に制限されない。

[0051]

上記工程(b)における「細胞の重層化の検出」は、当業者においては上述した方法(例えば、位相差顕微鏡を利用した方法等)により実施することができる

[0052]

上記工程(c)においては、通常、細胞へ被検化合物を接触させない場合と比



[0053]

多くの癌細胞において細胞の重層化が見られることから、細胞の重層化を阻害する化合物は、抗腫瘍活性を有することが期待される。従って、本発明の上記スクリーニング方法によって選択される化合物は、抗腫瘍活性を有することが期待できる。即ち、該化合物を有効成分として含有する細胞の重層化阻害剤は、抗腫瘍剤となり得る。

[0054]

また、従来のin vitroの培養細胞のシステムにおいては、癌タンパク質(oncoprotein) RasやSrcによる"繊維芽細胞"のトランスフォーメーション(transformation)アッセイが広く用いられていた。これは、細胞が足場依存性を失って増殖を続けるために、何処にも接着していない細胞が増加して光学顕微鏡で検出し得る"focus"を形成する現象を見るものである。RasやSrc、あるいはいくつかの癌遺伝子を上皮細胞に発現させると、ほとんどのケースで細胞間接着が失われ、さらに上皮の極性が失われて、繊維芽細胞・間充織細胞様の形態になることが知られている。本発明の細胞は、従来の細胞とは異なり、細胞間接着を維持したまま重層する細胞であることから、該細胞を利用した本発明の方法においては、従来の方法では取得するのが困難であった化合物(例えば、「上皮細胞の重層化」を特異的に阻害する化合物)のスクリーニングが可能となった。

[0055]

多くの癌は上皮細胞由来であるのに関わらず、培養細胞を用いたアッセイ系は上述の繊維芽細胞を用いた"focus"形成アッセイが主なものであった。上皮細胞を用いたアッセイ系の開発は、多くの種類の癌細胞に対してより有効なスクリーニング系を提供する可能性がある。また、上皮細胞が単層を維持する機構を解明する材料としても有用である。

[0056]

本発明には、上記スクリーニング方法によって取得される化合物、および該化 合物を有効成分として含有する細胞の重層化阻害剤、あるいは抗腫瘍剤も含まれ



[0057]

本発明の上記薬剤は、公知の製剤学的方法により製剤化することも可能である。例えば、薬理学上許容される担体もしくは媒体、具体的には、滅菌水や生理食塩水、植物油、乳化剤、懸濁剤、界面活性剤、安定剤、香味剤、賦形剤、ベヒクル、防腐剤、結合剤などと適宜組み合わせて、一般に認められた製薬実施に要求される単位用量形態で混和することによって製剤化することが可能である。

[0058]

また本発明は、細胞の重層化を誘導し得る変異型APCをコードするポリヌクレオチドをスクリーニングする方法に関する。該スクリーニング方法は、アフリカツメガエル由来の細胞に、被検ポリヌクレオチドを導入して変異型APC蛋白質を発現させる工程、上記細胞を培養する工程、上記細胞の重層化を検出する工程、および上記細胞を重層化するポリヌクレオチドを選択する工程、を含む。

[0059]

本発明の好ましい態様においては、被検者のAPCをコードするポリヌクレオチドを被検試料とすることにより、該ポリヌクレオチドがポリープの原因となるか否かについて検査することが可能である。通常、被検ポリヌクレオチドは、細胞において発現可能なように適当な発現ベクターへ組み込まれ、細胞へ導入される。当業者においては、適宜、発現ベクターを選択し、一般的な遺伝子工学技術を用いて、該ポリヌクレオチドを含む発現ベクターを構築することができる。該発現ベクターの細胞への導入は、周知の方法、例えば、上述のエレクトロポレーション法、またはリポフェクション法等により、実施することができる。

[0060]

上記スクリーニング方法に使用されるアフリカツメガエル由来の細胞としては、例えば、A6細胞を示すことができる。また、細胞の重層化は、例えば、位相差顕微鏡を利用した方法により検出することができる。より具体的には、後述の実施例で示す方法によって細胞の形態を詳細に観察することにより、細胞の重層化の検出を行うことができる。本スクリーニング方法においては、被検ポリヌクレオチドを発現させた細胞において重層化が見られる場合に、該ポリヌクレオチド



[0061]

【実施例】

以下、本発明を実施例により、さらに具体的に説明するが本発明はこれら実施例に制限されるものではない。なお、実施例に使用する抗体および細胞は下記の通りである。抗20-1モノクローナル抗体(Clone:T8-754)は、三光純薬から購入した。核酸を選択的に染色するTOTO-3は、Molecular probe社から購入した。A6細胞(アフリカツメガエルXenopus laevis腎臓由来上皮細胞株)は、10%ウシ胎児血清を含むLeivobitz's L-15培養液(GIBCO BRL)中にて、23℃、非二酸化炭素環境中で増殖させた。実施例2に示す理由により、アフリカツメガエルの遺伝子と細胞を選択した。

[0062]

[実施例1] 自家蛍光タンパク質GFP(green fluorescent protein)融合APCの作成

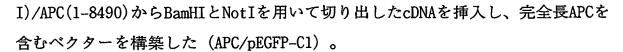
APCの機能を詳細に明らかにするために、常法を用いて、APCの異なる部位を含むcDNAを自家蛍光タンパク質GFP(green fluorescent protein)cDNAを融合した発現ベクターを作成した(図1)。

[0063]

アフリカツメガエルAPC遺伝子の配列は既知であり、GenBank (U64442) に報告されている。各々の発現ベクターは、以下の手順で作成された。

[0064]

(a) GFP-fAPC: GFPを融合した全長APCを発現するためのベクターである。全長APCを含む発現ベクター、pGFP-C(NheI)/APC(1-8490)及びpQBI25/APC(1-8487)は、発明者らによって既に論文報告されている(Mimori-Kiyosue Y. et al., J. Cell Biol. 148(3): 505-18, 2000)。GFP-fAPC発現ベクターを構築するため、まず、pGFP-C(NheI)/APC(1-8490)からXbaIを用いて切り出したAPCの3、領域を含むcDNAを、pEGFP-C1 (Clonthech社)のXbaIサイトに挿入した。次に、このベクターのSacII-BamHIサイトに、pQBI25/APC(1-8487)からSacIIとBamHIによって切り出したcDNAを挿入した。最後に、このベクターのBamHI-NotIサイトに、pGFP-C(Nhe



[0065]

(b) GFP-APC(Δ TSV): APCの C 末端の3アミノ酸、TSVを欠失したAPCを発現するベクターである。APCの2089-2826アミノ酸をコードする遺伝子は、pGFP-C(Nhe I)/APC(1-8490)をテンプレートとし、以下のプライマーを用いてPCRにより作成した。

CGACGCGTAATGCATTTTCTCCAGACTCTG(配列番号: 2)

GGAATTCGGATCCTCACACCAGATAAGAACCAGAGTGCC(配列番号: 3)

[0066]

このPCR産物はSpeIとEcoRIで切断し、pGFP-C(NheI)ベクターのNheI-EcoRIサイトに挿入した(APC(6475-8478)/pGFP-C(NheI))。このベクターをPvuIとNotIで切断し、得られた断片を同酵素で切断したAPC/pEGFP-C1に挿入した。

[0067]

(c) ΔcAPC-GFP: このタンパク質を発現するベクターは、既に発明者らによって論文報告されている(Mimori-Kiyosue Y. et al., J. Cell Biol. 148(3): 5 05-18, 2000)。

[0068]

(d) nAPC–GFP: APCのN末端領域のみを発現するためのベクターである。APC のN末端の859アミノ酸をコードする遺伝子は、pGFP–C(NheI)/APC(1-8490)をテンプレートとし、以下のプライマーを用いてPCRにより作成した。

CGACGCGTATGGCTGCTTCGTATGATCAGT(配列番号:4)

CGACGCGTACCTGCTGTTCTTTCCCTGTC(配列番号: 5)

[0069]

このPCR産物はMluIで切断し、pGFP(MluI)ベクター(発明者らにより報告)のMluIサイトに挿入した。

[0070]

(e) mAPC-GFP: APCの中央領域のみを発現するためのベクターである。まず、 以下のプライマーを用いてPCRによりAPCの860-1120アミノ酸をコードする遺伝子 をを作成した。

CTAGCTAGCCTCGGCAACTACCATTCG (配列番号: 6)

ATTAGAGCTCACTCTAGAC(配列番号:7)

[0071]

このPCR産物をNheIと XbaIで切断し、pQBI25ベクターのNheIサイトに挿入した。次に、このベクターをEcoRIで切断し、ΔcAPC-GFPからEcoRIで切り出したAPCの中央領域を含むフラグメントを挿入した。最後に、このベクターをHindIIIとApaIで切断し、ΔcAPC-GFPからHindIIIとApaIで切り出したフラグメントを挿入した。

[0072]

(f) GFP-cAPC: APCのC末端領域のみを発現するためのベクターである。この タンパク質を発現するベクターは、既に発明者らによって論文報告されている (Mimori-Kiyosue et al., J. cell Biol., 148(3):505-18, 2000)。

[0073]

「実施例2] cDNAのA6細胞への導入及びスクリーニング

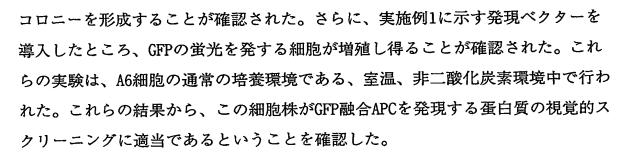
実施例1で得られたベクターをA6細胞に導入して安定発現株の樹立を試みた。

[0074]

多くの哺乳類由来培養細胞株において、APCの発現は非常に困難であり、これまでに全長APCをコンディショナルに発現する細胞株についての報告(Morin P. J. et al., Proc. Natl. Acad. Sci. USA 93(15): 7950-4, 1996)はあるものの、外来の全長及び変異型APCを安定的に発現する細胞株の樹立は報告されていない。そこで、A6細胞がAPCの発現に適当であるかどうかを検討した。

[0075]

まず、pQBI25ベクター (QBI0gene社)、Effectene transfection 試薬 (Qiage n社)を用いてGFP単体をA6細胞に発現させる予備実験を行い、蛍光染色像を蛍光顕微鏡で観察し、GFPが発現されることを確認した。さらに、GFP以外の明瞭な蛍光シグナルを呈する細胞は、調べた限りにおいては存在しなかった。pQBI25ベクター導入後48~72時間後に0.6~0.8 mg/mlのG418 sulfate (Calbiochem社)存在下で培養を開始し、耐性クローンを選択したが、A6細胞は容易に耐性クローンの



[0076]

実施例1に示した各cDNAは、上記と同様の条件で細胞に導入し、蛍光顕微鏡下でGFPの蛍光を検出することによりスクリーニングを行った。各コンストラクトについて、安定的に発現する細胞株を樹立した。

[0077]

[実施例3] GFP融合全長及び変異型APC発現細胞の位相差顕微鏡法による形態観察

実施例 2 で得られたGFP融合全長及び変異型APC発現細胞の形態を、位相差顕微鏡法により観察し、parental A6細胞のそれと比較した。細胞を100%コンフルエント密度でディシュに撒き、毎日培地を交換しながら $10\sim15$ 日間培養すると、parental A6細胞とGFP-fAPC、mAPC-GFP、GFP-cAPC発現細胞は上皮の形態を持つ平坦な単層構造となるが、GFP-APC(Δ TSV)、 Δ cAPC-GFP、nAPC-GFP発現細胞では、一定の頻度 $(100\sim 200)$ m間隔)で細胞層が平坦ではなく隆起した領域が出現した(図 2)。

[0078]

[実施例4] GFP融合全長及び変異型APC発現細胞の電子顕微鏡観察

実施例2で得られたGFP融合全長及び変異型APC発現細胞の形態を詳細に観察するため、電子顕微鏡観察を行った(図3)。各細胞を、リン酸緩衝液を用いて調整した1%グルタルアルデヒド水溶液中で固定し、常法により試料作成を行い、走査型電子顕微鏡法により細胞表面の構造を観察した。parental A6細胞とGFP-fAP C発現細胞においては、細密充填された細胞の頂端膜が平坦に連なり、頂端膜上の微絨毛やprimaly cilia構造の突出のみが観察された。それに対し、GFP-APC(ΔTSV)、ΔcAPC-GFP、nAPC-GFP発現細胞では、数個~数10個の細胞が隆起し、平坦な細胞単層でない領域の出現が観察された。

[0079]

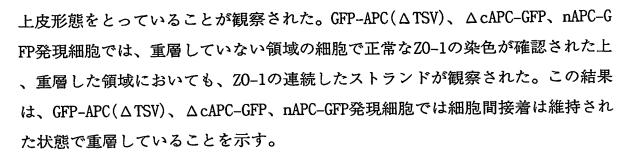
次に、1%グルタルアルデヒド水溶液中で固定した細胞を常法により超薄切片を 作成、透過型電子顕微鏡法により細胞縦断面の観察を行った(図4)。parental A6細胞ではある程度の細胞間隙が認められるが細胞が単層であるのに対し、GFP -APC(ΔTSV)、ΔcAPC-GFP、nAPC-GFP発現細胞では細胞間隙が増加し、細胞の重 層が明確に観察された。しかし、典型的な細胞間接着構造は保持されていること が確認された。つまり、変異型APC発現細胞は、電子顕微鏡像において、細胞頭 頂領域に上皮細胞に特徴的な細胞間接着構造であるタイト・ジャンクションとア ドヘレンス・ジャンクションが観察されるのに関わらず、それより下の領域では 細胞-細胞間隙が顕著で、また、細胞-基質間隙も顕著であった。それに反して、 GFP-fAPC発現細胞では、細胞-細胞間にも細胞-基質間にも間隙が全く見られず、 細胞は単層に並列していた。これらの結果から、APCは細胞間接着を強化する機 能を持つが、変異型APCはその機能を有せず、細胞-細胞間、細胞-基質間の両方 の接着が弱くなっていることが明らかになった。APCのN末端領域には、アクチン 細胞骨格を調節する因子であるAsefが結合して細胞運動を促進することが報告さ れているため (Kawasaki Y, Science; 289(5482):1194-7, 2000) 、細胞運動の 亢進により細胞接着や形態が変化したと考えられる。

[0080]

つまり、全長APCは、細胞-細胞間、細胞-基質間接着を強化する機能を持つのに対し、C末端を欠失した変異型APCではその機能が失われ、かつ細胞運動が亢進する相乗効果によって、細胞が基質からはがれ、重層化するものと考えられた。

[0081]

[実施例 5] GFP融合全長及び変異型APC発現細胞の蛍光顕微鏡法による観察実施例 2 で得られたGFP融合全長及び変異型APC発現細胞を、抗ZO-1抗体を用いて免疫染色を行い蛍光共焦点顕微鏡法により観察し、parental A6細胞のそれと比較した(図 5)。ZO-1は、上皮または内皮細胞層における細胞間接着装置の一つであるタイト・ジャンクションの構成成分であり、正常な上皮の極性を持った細胞では、ZO-1は細胞膜頂端部において細胞を取り巻く連続した周縁に分布する。A6細胞とGFP-fAPC発現細胞では、ZO-1は細胞周縁に連続して観察され、正常に



[0082]

これらの知見から、変異型APCは細胞の形態に影響を及ぼし、正常上皮細胞の 単層性を阻害することが示された。細胞間接着は維持しながら細胞が重層するこ とから、モデルマウスにおけるポリープ形成現象に類似しており、モデル系とし て用いることができる。

[0083]

「実施例6] 全長APCと変異型APCの細胞内局在

GFP-fAPCは、A6細胞において細胞膜上(basolateral膜, cell cortex)に局在した。類似したコンストラクトであるfAPC-mGFP(APC全長を含むがGFPがAPCの内部に挿入されている公表済みのコンストラクト)がA6細胞においてbasolateral膜に局在することは発明者らによって論文報告されている(Mimori-Kiyosue Yand Tsukita S., J Cell Biol, 154(6):1105-1109, 2001)。この結果と一致して、GFP-cAPCも細胞膜上に局在した。しかし、GFP-APC(Δ TSV)、 Δ cAPC-GFP、mAPC-GFPは細胞膜に局在しなかった。このことから、APCはそのC末端のPDZ結合モチーフ、TSVにより細胞膜に局在すると考えられる。APCのC末端には、細胞膜上に局在するPDZタンパク質のひとつであるhDLGが結合することが報告されている。NAPC-GFPは細胞膜上に局在したが、GFP-APC(Δ TSV)と Δ cAPC-GFPが細胞膜に局在しないことを考え合わせると、nAPC-GFPは本来APCが局在する機構とは異なって、まだ未同定の細胞膜局在するAPC結合タンパク質により細胞膜にリクルートされていると考えられる。

[0084]

これらの結果から、APCはそのC末端でPDZタンパク質に結合することにより細胞膜に局在し、細胞形態の維持に寄与していると考えられる。

[0085]

【発明の効果】

本発明により、細胞の重層化を誘導し得る変異型APCタンパク質が提供された。該タンパク質を発現する細胞は、細胞の重層化を阻害する化合物のスクリーニングに有用である。また本発明者らによって、変異型APCを発現する細胞は細胞間接着構造を保持しているが、細胞の重層化が見られることが、初めて明らかとなった。これらの知見により、ポリープ形成および癌化のメカニズムの解明が大いに期待される。

[0086]

【配列表】

SEQUENCE LISTING

<110> Eisai Co., Ltd.

<120> Cells expressing exogenous APC mutant protein, and use thereof

<130> E1-A0201

<140>

<141>

<160> 7

<170> PatentIn Ver. 2.1

<210> 1

<211> 2829

<212> PRT

<213> Xenopus laevis

<400> 1

Met Ala Ala Ser Tyr Asp Gln Leu Val Lys Gln Val Glu Ala Leu

1 5 10 15

Thr Met Glu Asn Thr Asn Leu Arg Gln Glu Leu Glu Asp Asn Ser Asn 20 25 30

His Leu Thr Lys Leu Glu Thr Glu Ala Thr Asn Met Lys Glu Val Leu 35 40 45

Lys Gln Leu Gln Gly Ser Ile Glu Asp Glu Ala Met Ala Ser Ser Gly 50 55 60

Pro Ile Asp Leu Leu Glu Arg Phe Lys Asp Leu Asn Leu Asp Ser Ser 65 70 75 80

Asn Ile Pro Ala Gly Lys Ala Arg Pro Lys Met Ser Met Arg Ser Tyr 85 90 95

Gly Ser Arg Glu Gly Ser Leu Ser Gly His Ser Gly Glu Cys Ser Pro 100 105 110

Val Pro Val Gly Ser Phe Gln Arg Arg Gly Leu Leu Asn Gly Ser Arg 115 120 125

Glu Ser Ala Gly Tyr Met Glu Glu Leu Glu Lys Glu Arg Leu Leu Leu 130 135 140

Ile Ala Glu His Glu Lys Glu Glu Lys Glu Lys Arg Trp Tyr Tyr Ala

Gln Leu Gln Asn Leu Thr Lys Arg Ile Asp Ser Leu Pro Leu Thr Glu

Asn Phe Ser Met Gln Thr Asp Met Thr Arg Arg Gln Leu Glu Tyr Glu

Ala Arg Gln Ile Arg Ala Ala Met Glu Glu Gln Leu Gly Thr Cys Gln

Asp Met Glu Lys Arg Val Gln Thr Arg Val Gly Lys Ile His Gln Ile

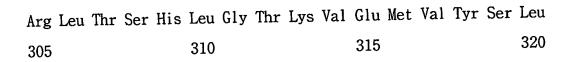
Glu Glu Glu Ile Leu Arg Ile Arg Gln Leu Leu Gln Ser Gln Val Ala

Glu Ala Ala Glu Arg Thr Pro Gln Ser Lys His Asp Ala Gly Ser Arg

Asp Ala Glu Lys Leu Pro Asp Gly Gln Gly Thr Ser Glu Ile Thr Ala

Ser Gly Asn Val Gly Ser Gly Gln Gly Ser Ser Ser Arg Ala Asp His

Asp Thr Thr Ser Val Met Ser Ser Asn Ser Thr Tyr Ser Val Pro Arg



Leu Ser Met Leu Gly Thr His Asp Lys Asp Asp Met Ser Arg Thr Leu 325 330 335

Leu Ala Met Ser Ser Ser Gln Asp Ser Cys Ile Ala Met Arg Gln Ser 340 345 350

Gly Cys Leu Pro Leu Leu Ile Gln Leu Leu His Gly Asn Asp Lys Asp 355 360 365

Ser Val Leu Leu Gly Asn Ser Arg Gly Ser Lys Glu Ala Arg Ala Ser 370 375 380

Gly Ser Ala Ala Leu Asp Asn Ile Ile His Ser Gln Pro Asp Asp Lys 385 390 395 400

Arg Gly Arg Arg Glu Ile Arg Val Leu His Leu Leu Glu Gln Ile Arg
405 410 415

Ala Tyr Cys Glu Thr Cys Trp Glu Trp Gln Glu Ala His Glu Gln Gly
420 425 430

Met Asp Gln Asp Lys Asn Pro Met Pro Ala Pro Val Asp His Gln Ile 435 440 445

Cys Pro Ala Val Cys Val Leu Met Lys Leu Ser Phe Asp Glu Glu His 450 455 460 Arg His Ala Met Asn Glu Leu Gly Gly Leu Gln Ala Ile Ala Glu Leu 465 470 475 480

Leu Gln Val Asp Cys Glu Met Tyr Gly Leu Ile Asn Asp His Tyr Ser 485 490 495

Val Thr Leu Arg Arg Tyr Ala Gly Met Ala Leu Thr Asn Leu Thr Phe
500 505 510

Gly Asp Val Ala Asn Lys Ala Thr Leu Cys Ser Met Lys Ser Cys Met 515 520 525

Arg Ala Leu Val Ala Gln Leu Lys Ser Glu Ser Glu Asp Leu Gln Gln 530 535 540

Val Ile Ala Ser Val Leu Arg Asn Leu Ser Trp Arg Ala Asp Val Asn 545 550 555 560

Ser Lys Lys Thr Leu Arg Glu Val Gly Ser Val Lys Ala Leu Met Glu 565 570 575

Cys Ala Leu Asp Val Lys Lys Glu Ser Thr Leu Lys Ser Val Leu Ser 580 585 590

Ala Leu Trp Asn Leu Ser Ala His Cys Thr Glu Asn Lys Ala Asp Ile 595 600 605

Cys Ser Val Asp Gly Ala Leu Ala Phe Leu Val Ser Thr Leu Thr Tyr

610

615

620

Arg Ser Gln Thr Asn Thr Leu Ala Ile Ile Glu Ser Gly Gly Gly Ile 625 630 635 640

Leu Arg Asn Val Ser Ser Leu Ile Ala Thr Asn Glu Asp His Arg Gln 645 650 655

Ile Leu Arg Glu Asn Asn Cys Leu Gln Thr Leu Leu Gln His Leu Lys
660 665 670

Ser His Ser Leu Thr Ile Val Ser Asn Ala Cys Gly Thr Leu Trp Asn 675 680 685

Leu Ser Ala Arg Asn Ala Lys Asp Gln Glu Gly Leu Trp Asp Met Gly 690 695 700

Ala Val Ser Met Leu Lys Asn Leu Ile His Ser Lys His Lys Met Ile 705 710 715 720

Ala Met Gly Ser Ala Ala Ala Leu Arg Asn Leu Met Ala Asn Arg Pro
725 730 735

Ala Lys Tyr Lys Asp Ala Asn Ile Met Ser Pro Gly Ser Ser Val Pro
740 745 750

Ser Leu His Val Arg Lys Gln Lys Ala Leu Glu Ala Glu Leu Asp Ala 755 760 765 Gln His Leu Ser Glu Thr Phe Asp Asn Ile Asp Asn Leu Ser Pro Lys

780

Thr Thr His Arg Asn Lys Gln Arg His Lys Gln Asn Leu Cys Ser Glu
785 790 795 800

775

770

Tyr Ala Leu Asp Ser Ser Arg His Asp Asp Ser Ile Cys Arg Ser Asp 805 810 815

Asn Phe Ser Ile Gly Asn Leu Thr Val Leu Ser Pro Tyr Ile Asn Thr 820 825 830

Thr Val Leu Pro Gly Ser Ser Ser Pro Arg Pro Thr Met Asp Gly Ser 835 840 845

Arg Pro Glu Lys Asp Arg Glu Arg Thr Ala Gly Leu Gly Asn Tyr His 850 855 860

Ser Thr Thr Glu Ser Ser Gly Asn Ser Ser Lys Arg Ile Gly Ile Gln 865 870 875 880

Leu Ser Thr Thr Ala Gln Ile Ser Lys Val Met Asp Glu Val Ser Asn 885 890 895

Ile His Leu Val Gln Glu Asn Arg Ser Ser Gly Ser Ala Ser Glu Met 900 905 910

His Cys Met Ser Asp Glu Arg Asn Ser Gln Arg Lys Pro Ser Ser Asn 915 920 925 His Pro Gln Ser Asn Pro Phe Thr Phe Thr Lys Ala Glu Ser Ser Thr 930 935 940

Arg Gly Cys Pro Val Ala Phe Met Lys Met Glu Tyr Lys Met Ala Ser 945 950 955 960

Asn Asp Ser Leu Asn Ser Val Ser Ser Thr Glu Gly Tyr Gly Lys Arg 965 970 975

Gly Gln Val Lys Pro Ser Val Glu Ser Tyr Ser Glu Asp Asp Glu Ser 980 985 990

Lys Phe Phe Ser Tyr Gly Gln Tyr Pro Ala Gly Leu Ala His Lys Ile 995 1000 1005

Gln Ser Ala Asn His Met Asp Asp Asn Asp Thr Glu Leu Asp Thr Pro 1010 1015 1020

Ile Asn Tyr Ser Leu Lys Tyr Ser Asp Glu Gln Leu Asn Ser Gly Arg 1025 1030 1035 1040

Gln Ser Pro Thr Gln Asn Glu Arg Trp Ser Arg Pro Lys His Ile Ile 1045 1050 1055

Asp Ser Glu Met Lys Gln Ser Glu Gln Arg Gln Pro Arg Thr Thr Lys 1060 1065 1070

Thr Thr Tyr Ser Ser Tyr Thr Glu Asn Lys Glu Glu Lys His Lys Lys

1075

1080

1085

Phe Pro Pro His Phe Asn Gln Ser Glu Asn Val Pro Ala Tyr Thr Arg 1090 1095 1100

Ser Arg Gly Ala Asn Asn Gln Val Asp Gln Ser Arg Val Ser Ser Asn 1105 1110 1115 1120

Leu Ser Asn Asn Ser Lys Ala Ser Lys Pro His Cys Gln Val Asp Asp 1125 1130 1135

Tyr Asp Asp Asp Lys Thr Thr Asn Phe Ser Glu Arg Tyr Ser Glu Glu
1140 1145 1150

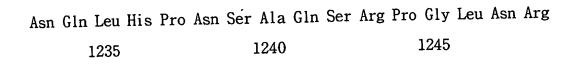
Glu Gln Gln Glu Asp Glu Thr Glu Arg Gln Asn Lys Tyr Asn Ile Lys 1155 1160 1165

Ala Tyr Ala Ser Glu Glu His His Gly Glu Gln Pro Ile Asp Tyr Ser 1170 1175 1180

Arg Lys Tyr Ser Thr Asp Val Pro Ser Ser Ala Gln Lys Pro Ser Phe 1185 1190 1195 1200

Pro Tyr Ser Asn Asn Ser Ser Lys Gln Lys Pro Lys Lys Glu Gln Val 1205 1210 1215

Ser Ser Asn Ser Asn Thr Pro Thr Pro Ser Pro Asn Ser Asn Arg Gln
1220 1225 1230



Pro Lys Gln Ile Pro Asn Lys Pro Pro Ser Ile Asn Gln Glu Thr Ile 1250 1255 1260

Gln Thr Tyr Cys Val Glu Asp Thr Pro Ile Cys Phe Ser Arg Gly Ser 1265 1270 1275 1280

Ser Leu Ser Ser Leu Ser Ser Ala Glu Asp Glu Ile Glu Gly Arg Glu 1285 1290 1295

Arg Asn Ser Arg Gly Gln Glu Ser Asn Asn Thr Leu Gln Ile Thr Glu 1300 1305 1310

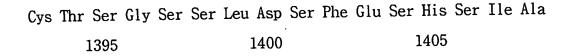
Pro Lys Glu Ile Ser Ala Val Ser Lys Asp Gly Ala Val Asn Glu Thr 1315 1320 1325

Arg Ser Ser Val His His Thr Arg Thr Lys Asn Asn Arg Leu Gln Thr 1330 1335 1340

Ser Asn Ile Ser Pro Ser Asp Ser Ser Arg His Lys Ser Val Glu Phe 1345 1350 1355 1360

Ser Ser Gly Ala Lys Ser Pro Ser Lys Ser Gly Ala Gln Thr Pro Lys 1365 1370 1375

Ser Pro Pro Glu His Tyr Val Gln Glu Thr Pro Leu Met Phe Ser Arg 1380 1385 1390



Ser Ser Ile Ala Ser Ser Val Ala Ser Glu His Met Ile Ser Gly Ile 1410 1415 1420

Ile Ser Pro Ser Asp Leu Pro Asp Ser Pro Gly Gln Thr Met Pro Pro 1425 1430 1435 1440

Ser Arg Ser Lys Thr Pro Pro Pro Pro Gln Thr Val Gln Ala Lys Lys 1445 1450 1455

Asp Gly Ser Lys Pro Ile Val Pro Asp Glu Glu Arg Gly Lys Val Ala 1460 1465 1470

Lys Thr Ala Val His Ser Ala Ile Gln Arg Val Gln Val Leu Gln Glu 1475 1480 1485

Ala Asp Thr Leu Leu His Phe Ala Thr Glu Ser Thr Pro Asp Gly Phe 1490 1495 1500

Ser Cys Ala Ser Ser Leu Ser Ala Leu Ser Leu Asp Glu Pro Tyr Ile 1505 1510 1515 1520

Gln Lys Asp Val Gln Leu Lys Ile Met Pro Pro Val Leu Glu Asn Asp 1525 1530 1535

Gln Gly Asn Lys Ala Glu Pro Glu Lys Glu Phe Ile Asp Asn Lys Ala

1540

1545

1550

Lys Lys Glu Asp Lys Arg Ser Glu Gln Glu Lys Asp Met Leu Asp Asp 1555 1560 1565

Thr Asp Asp Asp Ile Asp Ile Leu Glu Glu Cys Ile Ile Ser Ala Met 1570 1575 1580

Pro Arg Lys Pro Ser Arg Lys Asn Lys Lys Val Pro Gln Pro Thr Pro 1585 1590 1595 1600

Gly Lys Pro Pro Pro Pro Val Ala Arg Lys Pro Ser Gln Leu Pro Val 1605 1610 1615

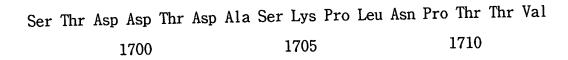
Tyr Lys Leu Leu Ser Ser Gln Asn Arg Leu Gln Thr Gln Lys His Val 1620 1625 1630

Asn Phe Thr His Ser Asp Asp Met Pro Arg Val Tyr Cys Val Glu Gly 1635 1640 1645

Thr Pro Ile Asn Phe Ser Thr Ala Thr Ser Leu Ser Asp Leu Thr Ile 1650 1655 1660

Glu Ser Pro Pro Ser Glu Pro Thr Asn Asp Gln Pro Asn Thr Asp Ser 1665 1670 1675 1680

Leu Ser Thr Asp Leu Glu Lys Arg Asp Thr Ile Pro Thr Glu Gly Arg 1685 1690 1695



Leu Asp Glu Asp Lys Ala Glu Glu Gly Asp Ile Leu Ala Glu Cys Ile 1715 1720 1725

His Ser Ala Met Pro Lys Gly Lys Ser His Lys Pro Tyr Arg Val Lys 1730 1735 1740

Lys Ile Met Asp Gln Ile Asn His Thr Ser Ala Ala Thr Ser Ser Gly
1745 1750 1755 1760

Asn Ser Arg Ser Met Gln Glu Thr Asp Lys Asn Lys Pro Thr Ser Pro 1765 1770 1775

Val Lys Pro Met Pro Gln Ser Ile Gly Phe Lys Glu Arg Leu Lys Lys 1780 1785 1790

Asn Thr Glu Leu Lys Leu Asn Pro Asn Ser Glu Asn Gln Tyr Cys Asp 1795 1800 1805

Pro Arg Lys Pro Ser Ser Lys Lys Pro Ser Lys Val Ala Asn Glu Lys 1810 1815 1820

Ile Pro Asn Asn Glu Glu Arg Thr Lys Gly Phe Ala Phe Asp Ser Pro 1825 1830 1835 1840

His His Tyr Thr Pro Ile Glu Gly Thr Pro Tyr Cys Phe Ser Arg Asn 1845 1850 1855

- Asp Ser Leu Ser Ser Leu Asp Phe Glu Asp Asp Asp Ile Asp Leu Ser 1860 1865 1870
- Lys Glu Lys Ala Glu Leu Arg Lys Glu Lys Gly Thr Lys Asp Thr Asp 1875 1880 1885
- Gln Lys Val Lys Tyr Lys His Glu Asn Arg Ala Ile Asn Pro Met Gly 1890 1895 1900
- Lys Gln Asp Gln Thr Gly Pro Lys Ser Leu Gly Gly Arg Asp Gln Pro 1905 1910 1915 1920
- Lys Ala Leu Val Gln Lys Pro Thr Ser Phe Ser Ser Ala Ala Lys Gly 1925 1930 1935
- Thr Gln Asp Arg Gly Gly Ala Thr Asp Glu Lys Met Glu Asn Phe Ala 1940 1945 1950
- Ile Glu Asn Thr Pro Val Cys Phe Ser Arg Asn Ser Ser Leu Ser Ser 1955 1960 1965
- Leu Ser Asp Ile Asp Gln Glu Asn Asn Asn Lys Glu Thr Glu Pro Leu 1970 1975 1980
- Lys Gln Thr Gly Thr Ser Glu Thr Gln Leu Gly Leu Arg Arg Pro Gln
 1985 1990 1995 2000
- Thr Ser Gly Tyr Ala Pro Lys Ser Phe His Val Glu Asp Thr Pro Val

2005

2010

2015

Cys Phe Ser Arg Asn Ser Ser Leu Ser Ser Leu Ser Ile Asp Ser Glu 2020 2025 2030

Asp Asp Leu Leu Gln Glu Cys Ile Ser Ser Ala Met Pro Lys Lys Arg 2035 2040 2045

Lys Pro Ser Lys Ile Lys Asn Glu Val Gly Lys Ser Arg Ser Asn Ser 2050 2055 2060

Val Gly Gly Ile Leu Ala Glu Glu Pro Asp Leu Thr Leu Asp Leu Arg 2065 2070 2075 2080

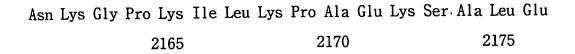
Asp Ile Gln Ser Pro Asp Ser Glu Asn Ala Phe Ser Pro Asp Ser Glu 2085 2090 2095

Asn Phe Asp Trp Lys Ala Ile Gln Glu Gly Ala Asn Ser Ile Val Ser 2100 2105 2110

Arg Leu His Gln Ala Ala Ala Ala Gly Ser Leu Ser Arg Gln Gly Ser 2115 2120 2125

Ser Asp Ser Asp Ser Ile Leu Ser Leu Lys Ser Gly Ile Ser Leu Gly 2130 2135 2140

Ser Pro Phe His Leu Thr Leu Asp Lys Glu Glu Lys Thr Ile Thr Ser 2145 2150 2155 2160



Asn Lys Lys Thr Glu Glu Glu Pro Lys Gly Ile Lys Gly Gly Lys Lys 2180 2185 2190

Val Tyr Lys Ser Leu Ile Thr Gly Lys Ser Arg Ser Ser Ser Asp Phe 2195 2200 2205

Ser Ser His Cys Lys Gln Ser Val Gln Thr Asn Met Pro Ser Ile Ser 2210 2215 2220

Arg Gly Arg Thr Met Ile His Ile Pro Gly Val Arg Ala Ser Ser Pro 2225 2230 2235 2240

Ser Thr Ser Pro Val Ser Lys Lys Gly Pro Val Phe Lys Asn Val Pro 2245 2250 2255

Ser Lys Gly Ser Asn Glu Asn Pro Ser Ser Ser Ser Pro Lys Gly
2260 2265 2270

Thr Lys Pro Leu Lys Ser Glu Leu Val Tyr Gly Ser Arg Pro Ser Ser 2275 2280 2285

Thr Pro Gly Gly Ser Ser Lys Gly Asn Ser Arg Ser Gly Ser Arg Asp 2290 2295 2300

Ser Ala Ser Ser Arg Pro Ser Pro Gln Pro Leu Ser Arg Pro Leu Gln 2305 2310 2315 2320

- Ser Pro Gly Arg Asn Ser Ile Ser Pro Gly Lys Asn Gly Ile Ser Pro 2325 2330 2335
- Pro Asn Lys Phe Ser Gln Leu Pro Arg Thr Thr Ser Pro Ser Thr Ala 2340 2345 2350
- Ser Thr Lys Ser Ser Gly Ser Gly Arg Met Ser Tyr Thr Ser Pro Gly
 2365
 2365
- Arg Gln Leu Ser Gln Pro Asn Leu Ser Lys Gln Ser Gly Leu Pro Lys 2370 2375 2380
- Thr His Ser Ser Ile Pro Arg Ser Glu Ser Ala Ser Lys Ser Leu Asn 2385 2390 2395 2400
- Gln Asn Val Asn Thr Gly Ser Asn Lys Lys Val Glu Leu Ser Arg Met 2405 2410 2415
- Ser Ser Thr Lys Ser Ser Gly Ser Glu Ser Asp Arg Ser Glu Arg Pro 2420 2425 2430
- Ala Leu Val Arg Gln Ser Thr Phe Ile Lys Glu Ala Pro Ser Pro Thr 2435 2440 2445
- Leu Arg Arg Lys Leu Glu Glu Ser Ala Ser Phe Glu Ser Leu Ser Ser 2450 2455 2460

Ser Ser Arg Ala Asp Ser Pro Pro Arg Ser Gln Thr Gln Thr Pro Ala

Leu Ser Pro Ser Leu Pro Asp Met Ala Leu Ser Thr His Ser Ile Gln

Ala Gly Gly Trp Arg Lys Met Pro Pro Asn Leu Asn Pro Ala Ala Glu

His Gly Asp Ser Arg Arg Arg His Asp Ile Ser Arg Ser His Ser Glu

Ser Pro Ser Arg Leu Pro Ile Thr Arg Ser Gly Thr Trp Lys Arg Glu

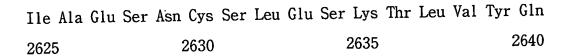
His Ser Lys His Ser Ser Ser Leu Pro Arg Val Ser Thr Trp Arg Arg

Thr Gly Ser Ser Ser Ser Ile Leu Ser Ala Ser Ser Glu Ser Ser Glu

Lys Ala Lys Ser Glu Asp Glu Lys Gln Gln Val Cys Ser Phe Pro Gly

Pro Arg Ser Glu Cys Ser Ser Ser Ala Lys Gly Thr Trp Arg Lys Ile

Lys Glu Ser Glu Ile Leu Glu Thr Pro Ser Asn Gly Ser Ser Ser Thr



Met Ala Pro Ala Val Ser Lys Thr Glu Asp Val Trp Val Arg Ile Glu 2645 2650 2655

Asp Cys Pro Ile Asn Asn Pro Arg Ser Gly Arg Ser Pro Thr Gly Asn 2660 2665 2670

Ser Pro Pro Val Ile Asp Asn Val Leu Asp Gln Gly Gln Lys Glu Glu 2675 2680 2685

Ala Ala Lys Asp Cys His Thr Arg His Asn Ser Gly Asn Gly Asn Val 2690 2695 2700

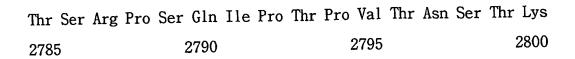
Pro Leu Leu Glu Asn Arg Gln Lys Ser Phe Ile Lys Val Asp Gly Leu 2705 2710 2715 2720

Asp Thr Lys Gly Thr Asp Pro Lys Ser Leu Ile Asn Asn Gln Glu 2725 2730 2735

Thr Asn Glu Asn Thr Val Ala Glu Arg Thr Ala Phe Ser Ser Ser Ser 2740 2745 2750

Ser Ser Lys His Ser Ser Pro Ser Gly Thr Val Ala Ala Arg Val Thr 2755 2760 2765

Pro Phe Asn Tyr Asn Pro Ser Pro Arg Lys Ser Asn Gly Glu Asn Ser 2770 2775 2780



Lys Arg Asp Ser Lys Thr Glu Thr Thr Asp Ser Ser Gly Ser Gln Ser 2805 2810 2815

Pro Lys Arg His Ser Gly Ser Tyr Leu Val Thr Ser Val 2820 2825

<210> 2

<211> 30

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:an artificially
synthesized primer sequence

<400> 2

cgacgcgtaa tgcattttct ccagactctg

30

<210> 3

<211> 39

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:an artificially
 synthesized primer sequence

<400> 3

ggaattcgga tcctcacacc agataagaac cagagtgcc

39

<210> 4

<211> 33

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:an artificially
 synthesized primer sequence

<400> 4

cgacgcgtat ggctgctgct tcgtatgatc agt

33

<210> 5

<211> 29

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:an artificially
 synthesized primer sequence

<400> 5

cgacgcgtac ctgctgttct ttccctgtc

29

<210> 6

<211> 27

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:an artificially
 synthesized primer sequence

<400> 6

ctagctagcc tcggcaacta ccattcg

27

<210> 7

<211> 19

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Description of Artificial Sequence:an artificially
 synthesized primer sequence

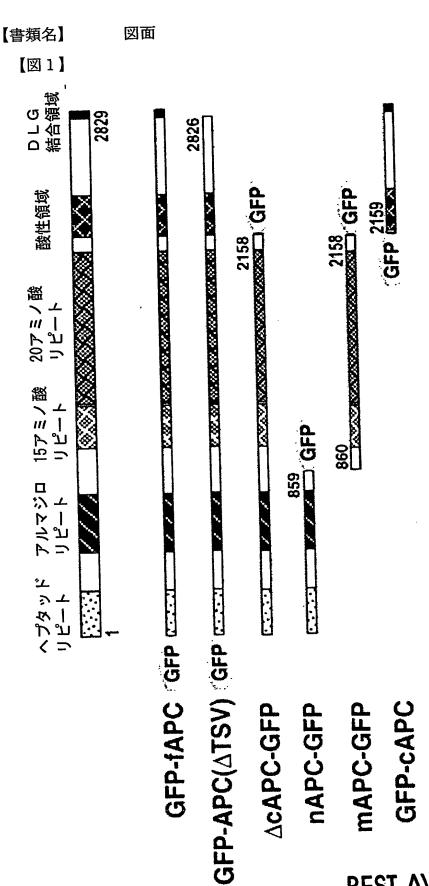
<400> 7

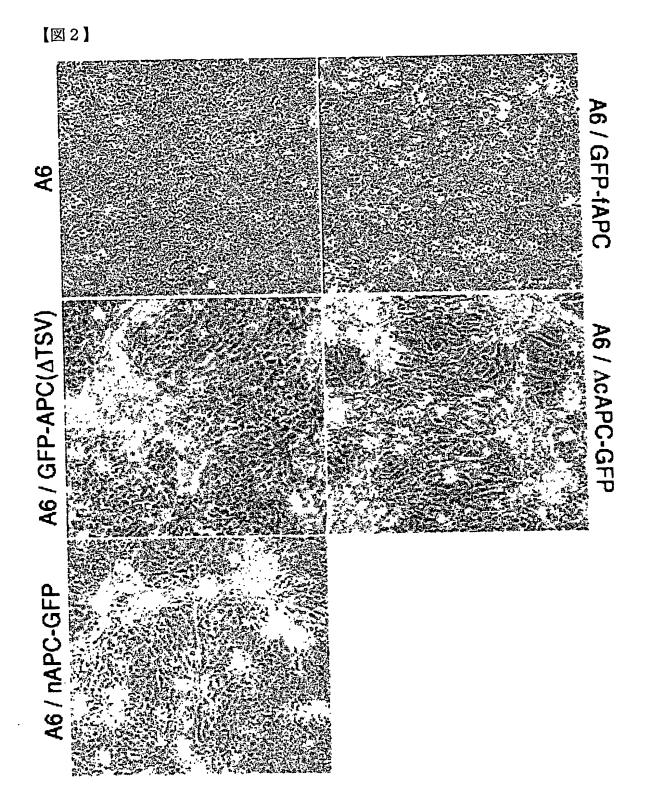
attagagete actetagae

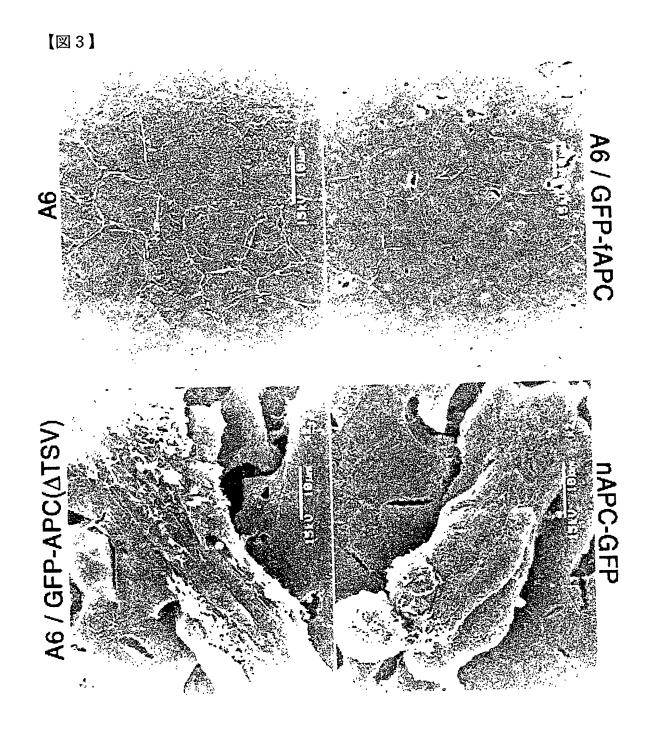
19

【図面の簡単な説明】

- 【図1】 アフリカツメガエルAPCタンパク質のドメイン構成図と、本発明に用いられたGFP融合全長及び変異型APCを模式的に示す図である。
- 【図2】 Parental A6細胞、及び、GFP-fAPC、GFP-APC(ΔTSV)、ΔcAPC-GFP、nAPC-GFPを安定に発現するA6細胞株の位相差顕微鏡写真である。
- 【図3】 変異型APCを発現する細胞が重層化することを示す走査型電子顕 微鏡写真である。
- 【図4】 変異型APCを発現する細胞が重層化することを示す透過型電子顕 微鏡写真である。
- 【図 5 】 変異型APCを発現する細胞が重層化後も細胞が細胞間接着構造を 形成していることを示す写真である。抗Z0-1抗体でTJタンパク質Z0-1を染色した









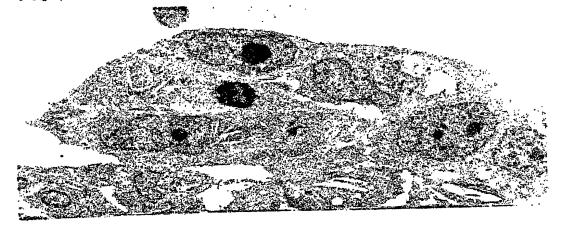
A6



A6 / GFP-fAPC



A6 / AcAPC-GFP



A6 / GFP-APC(ΔTSV)

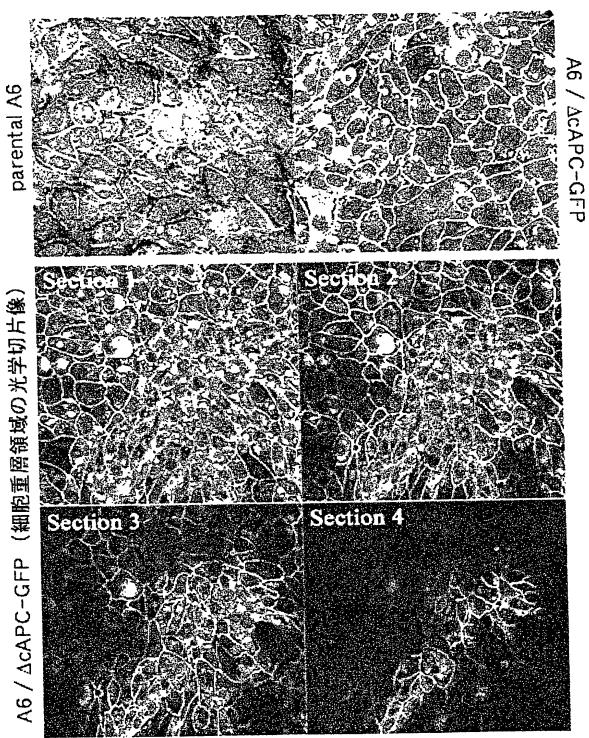


BEST AVAILABLE COPY出証特2003-3077038











【書類名】

要約書

【要約】

【課題】 正常および変異型APCの細胞形態や運動に関わる機能を明らかにすることにある。さらに本発明は、得られた知見を基に変異型APCタンパク質の用途を提供することを課題とする。

【解決手段】 蛋白質を可視化する技術を用い、アフリカツメガエル腎臓上皮培養細胞A6において、GFP融合全長及び変異型APCを安定に発現する細胞株を得た。この細胞を用い、C末端領域を欠損した変異型APCは細胞の重層化を誘導することを見出した。さらに、変異型APCの発現細胞株によって重層化した細胞は、細胞間接着構造を保持しており、個体(マウス)におけるポリープ形成と類似した現象であることを確認した。

【選択図】 なし



特願2002-241487

出願人履歴情報

識別番号

[000000217]

1. 変更年月日 [変更理由]

住 所 氏 名 1990年 8月29日

新規登録

東京都文京区小石川4丁目6番10号

エーザイ株式会社